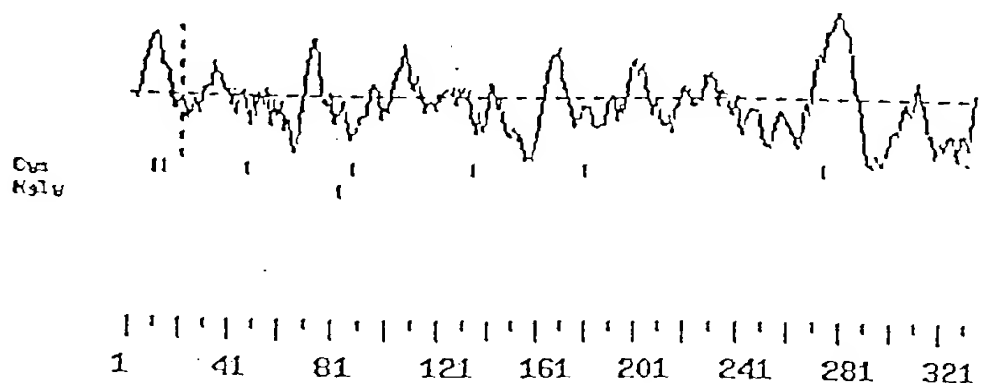


GGAGTCGACCCACGCGTCCGCGAGGGCTGAGGAACC	H S P S P T A L F C L	11
ATG TCT CCA TCC CCG ACC GCC CTC TTC TGT CTT		68
G L C L G R V P A Q S G P L P K P S L Q		31
GGG CTG TGT CTG GGG CGT GTG CCA GCG CAG AGT GGA CCG CTC CCC AAG CCC TCC CTC CAG		128
A L P S S L V P L E K P V T L R C Q G P		51
GCT CTG CCC AGC TCC CTG GTG CCC CTG GAG AAG CCA GTG ACC CTC CGG TGC CAG GGA CCT		188
P G V D L Y R L E K L S S S R Y Q D Q A		71
CCG GGC GTG GAC CTG TAC CGC CTG GAG AAG CTG AGT TCC AGC AGG TAC CAG GAT CAG GCA		246
V L F I P A M K R S L A G R Y R C S Y Q		91
GTC CTC TTC ATC CCG GCC ATG AAG AGA AGT CTG GCT GGA CGC TAC CGG TGC TCC TAC CAG		308
N G S L W S L P S D Q L E L V A T G V F		111
AAC GGA AGC CTC TGG TCC CTG CCC AGC GAC CAG CTG GAG CTC GTT GCC ACG GGA GTT TTT		368
A K P S L S A Q P G P A V S S G G D V T		131
GCC AAA CCC TCG CTC TCA GCC CAG CCC GGC CCG GCG GTG TCG TCA GGA GGG GAC GTA ACC		428
L Q C Q T R Y G F D Q F A L Y K E G D P		151
CTA CAG TGT CAG ACT CGG TAT GGC TTT GAC CAA TTT GCT CTG TAC AAG GAA GGG GAC CCT		488
A P Y K N P E R W Y R A S F P I I T V T		171
CCG CCC TAC AAG AAT CCC GAG AGA TGG TAC CGG GCT AGT TTC CCC ATC ATC ACG GTG ACC		548
A A H S G T Y R C Y S F S S R D P Y L W		191
GCC GCC CAC AGC GGA ACC TAC CGA TGC TAC AGC TTC TCC AGC AGG GAC CCA TAC CTG TGG		608
S A P S D P L E L V V T G T S V T P S R		211
TCG GCC CCC AGC GAC CCC CTG GAG CTT GTG GTC ACA GGA ACC TCT GTG ACC CCC AGC CGG		668
L P T E P P S S V A E F S E A T A E L T		231
TTA CCA ACA GAA CCA CCT TCC TCG GTA GCA GAA TTC TCA GAA GCC ACC GCT GAA CTG ACC		728
V S F T N K V F T T E T S R S I T T S P		251
GTC TCA TTC ACA AAC AAA GTC TTC ACA ACT GAG ACT TCT AGG AGT ATC ACC ACC AGT CCA		788
K E S D S P A G P A R Q Y Y T K G N L V		271
AAG GAG TCA GAC TCT CCA GCT GGT CCT GCC CGC CAG TAC TAC ACC AAG GGC AAC CTG GTC		848
R I C L G A V I L I I L A G F L A E D W		291
CGG ATA TGC CTC GGG GCT GTG ATC CTA ATA ATC CTG GCG GGG TTT CTG GCA GAG GAC TGG		908
H S R R K R L R H R G R A V Q R P L P P		311
CAC AGC CGG AGG AAG CGC CTG CGG CAC AGG GGC AGG GCT GTG CAG AGG CCG CTT CCG CCC		968
L P P L P Q T R K S H G G Q D G G R Q D		331
CTG CCG CCC CTC CCG CAG ACC CGG AAA TCA CAC GGG GGT CAG GAT GGA GGC CGA CAG GAT		1028
V H S R G L C S *		340
GTT CAC AGC CGC GGG TTA TGT TCA TGA		1055

FIGURE 1

CCGCTGAACCCACGGCACGGTCGTATCCAAGGGAGGGATCATGGCATGGGAGGCGACTCAAAGACTGGCGTGTGTGGAG 1134
CGTGGAAAGCAGGAGGGCAGAGGCTACAGCTGTGGAAACGAGGCCATGCTGCCCTCCTCCTGGTGTTCATCAGGGAGCCG 1213
TTGGGCCAGTGTCTGTCTGTCTGTCTGCCCTCTCTGTCTGAGGGCACCCCTCCATTTGGGATGGAAGGAATCTGTGGAGAG 1292
CCCATCCTCCTCCCTGCACACTGTGGATGACATGGTACCCTGGCTGGACCACATACTGGCCTCTTTCTTCAACCTCTCT 1371
AATATGGGCTCCAGACGGATCTCTAAGGTTCCCAGCTCTCAGGGTTGACTCTGTTCATCCTCTGTGCAAAATCCTCCT 1450
GTGCTTCCCTTTGGCCCTCTGTGCTCTTGTCTGGTTTTCCCAGAACTCTCACCCCTCACTCCATCTCCCACTGGGGTC 1529
TAACAAATCTCCTTTCTCTCAGAACGGGTCTTGACGGCAGTTTGGGTATGTCATTTCATTTTCCTTAGTGTAAAACT 1608
AGCACGTTGCCCGCTTCCCTTCACATTAGAAAAACAAGATCAGCCTGTGCAACATGGTGAAACCTCATCTCTACCAACAA 1687
AACAAAAAACACAAAAATTAGCCAGGTGTGGTGGTGCATCCCTATACTCCAGCAACTCGGGGGGCTGAGGTGGGAGA 1766
ATGGCTTGAGCCTGGGAGGCAGAGGTTCAGTGAGCTGAGATCACCACTGCACTCTAGCTCGGGTGACGAAGCCTGA 1845
CCTTGTCTCAAAAAATACAGGGATGAATATGTCAATTACCCTGATTTGATCATAGCACGTTGTATACATGTACTGCAAT 1924
ATTGCTGTCCACCCCATAAATATGTACAATTATGTATACATTTTAAAAATCATAAAAAATAAGATAATGAAAAAAAAA 2003
AAAAAAAAAAAAAGGGCGGGCCGCTAGACTAGTCTAGAGAACA 2047

FIGURE 1 cont.



MSPSP TALFCLGLCLGRVPAQSGPLPKPSLQALPSSSLVPLEKPVTLRCQGPPGVDLYRLE
KLSSSRYQDQAVLFIPAMKRSLAGRYRCSYQNGSLWSLPSDQLELVATGVFAKPSLSAQF
GPAVSSGGDVTLCQTRYGFDQFALYKEGDPAPYKNPERWYRASFPITVTAAHSGTYRC
YSFSSRDPYLWSAPSDPLELVVTGTSVTPSRLPTEPPSSVAEFSEATAELTVSFTNKVFT
TETSR SITTS PKESDSPAGPARQYYTKGNLVRICLGAVIL I ILAGFLAEDWHSRRKRLRH
RGRAVQRPLPPLPPLPQTRKSHGGQDGGRQDVHSRGLCS

FIGURE 2

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
 version 2.0uPlease cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)
 > U91928 ORF 1893 aa vs.
 > ht268 ORF 1017 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 37.7% identity; Global alignment score: -8

```

      10      20      30      40      50      60      70
inputs ATGACGCCCCGCTCACAGCCTGCTCTGCCTTGGGCTGAGTCTGGGCCCCAGGACCCGCGTGCAGGCAG
      :::: :: :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      10      20      30      40      50      60
      80      90     100     110     120     130
inputs GGCCCTTCCCCAAACCCACCCTCTGGGCTGAGCCAGGCTCTGTGAT-CAGCTGGGGGAGCCCCGTGACCA
      :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      70      80      90     100     110     120     130
      140     150     160     170     180     190     200
inputs TCTGGTGTGAGGGGAGCCTGGAGGCCCCAGGAGTACCGACTGGATAAAGAGGGGAAGCCAGAGCCCTTGGG
      :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      140     150     160     170     180
      210     220     230     240     250     260     270
inputs CAGAAATAACCCACTGGAACCCAAGAACAAGGCCAGATTCTCCATCCCATCCATGACAGAGCACCATGCG
      :::: :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      190     200     210     220     230     240
      280     290     300     310     320     330     340
inputs GGGAGATACCGCTGCCACTATTACAGCTCTGCAG--GCTGGTCAGAGCCCAGCGACCCCTGGAGCTGGT
      :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      250     260     270     280     290     300     310
      350     360     370     380     390     400     410
inputs GATGACAGGATTCTACAACAAACCCACCCTCTCAGCCCTGCCAGCCCTGTGGTGGCCTCAGGGGGGAAT
      . :::: :: . :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      320     330     340     350     360     370     380
      420     430     440     450     460     470     480
inputs ATGACCCTCCGATGTGGCTCACAGAAGGGATATCACCATTTTGTCTGATGAAGGAAGGAGAACACCAGC
      :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      390     400     410     420     430     440
      490     500     510     520     530     540     550
inputs TCCCCCGGACCCTGGACTCACAGCAGCTCCACAGTGGGGGGTTCCAGGCCCTGTTCCCTGTGGGCCCCGT
      :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::

```

FIGURE 3

FIGURE 3 cont.

FIGURE 3 cont.

```

      1750      1760      1770      1780      1790      1800      1810
inputs TGAGGCTGCTGCATCTGAAGCCTCCCAGGATGTGACCTACGCCCAAGCTGCACAGCTTGACCCCTTAGAGCG
      :::      :::      :::::      :::::      :::::      ::
      ---GGC---CGAC-----AGGATGTT-----CACAGC-----CG-
                        990                        1000

      1820      1830      1840      1850      1860      1870      1880
inputs AAGGCAACTGAGCCTCCTCCATCCCAGGAAGGGGAACCTCCAGCTGAGCCCAGCATCTACGCCACTCTGG
                        :::::      ::::
      -----CGGGTTATG-----TTCA-----
                        1010

      1890
inputs CCATCCAC
      -----

```

FIGURE 3 cont.

ALIGN calculates a global alignment of two sequences

version 2.0>Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

> ht268 a.a. 339 aa vs.

> GenPept U91928 - Human clone HL9 monocyte inhib 631 aa

scoring matrix: pam120.mat, gap penalties: -12/-4

23.0% identity; Global alignment score: -642

```

      10      20      30      40      50      60
inputs  MSFGPTALFCLGLCLG-RVPAQSGPLPKPSLQALPSSLVPLEKPVTLRCQGFPGVLYEDELSSS-...
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      MTPALTALLCLGLSLGPRTRVQAGPPPKPTLWAEPPGSPVISWSPVTIWCQGSLEAQBRYLDKEGSPPELD
      10      20      30      40      50      60      70

      70      80      90      100      110      120      130
inputs  RYQ-----DQAVLFIPAMKRSLAGRYRCSYQNGSLWSLPSDQLELVATGVFAFPLSLAQPGPAVSSGGDV
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      RNNPLEPKNYARFSIPSMTEHHAGRYRCHYYSSAGWSEPSDPLELVMTGFYNEPTLSALPSPVVASGGNM
      80      90      100      110      120      130      140

inputs  TLQQQT-----LY-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TLRGSGQGYHHFVLMKEGEHQLPRTLDSCQLHSGGFQALFPVGPVNPSSHRWFPTCYYYYYNTPQVWSPH
      150      160      170      180      190      200      210

      140      150
inputs  -----GFDQFALYKEGDP-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      SDPLEILPSGVSRAPSLTLQGPVLAPCQSLTLQCGSDVGYDRFVLYKEGERDFLQRPQQPQAGLSQAN
      220      230      240      250      260      270      280

      160
inputs  -----APYK-----NP-----ERW-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      FTLGPVSPSHGGQYRCYGAHNLSSEWSAPSDPLNLMAGQIYDVTSLSAQPGPTVASGENVTLLCQSWHQ
      290      300      310      320      330      340      350

      170      180      190      200
inputs  -----YRASFPITVTAHSGTYRCYSFSSRDPLYWSAPSDPLELVVTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      FDTFLLTKEGAHPPLRLRSMYGAHKYQAEFPHSPVTSAHAGTYRCYGSYSSNPHLLSFPSEPLELMVSG
      360      370      380      390      400      410      420

      210      220      230      240      250      260
inputs  TSVTPSRLPTEPPSS--VAEFSEATAELTVSFTNKVF-----TTETSRISITSPKESD--SPAGPA--
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      HSGGSSLPPTGPPSTPGLGRYLEVLIGVSVAFVLLFLLLFLLLRQRHSHKRTSDQRKTDQRPAGAAE
      430      440      450      460      470      480      490

      270      280      290
inputs  RQYYTKGNLVRICLGAVIL-----IILAGFLAEDW-----HSRRKR-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

FIGURE 4


```

TEPKDRGLLRSSPAADVQEENLYAAVKDTQSEDRVELDSQSPHDEDPQAVTYAPVKHSSPREMASPPS
      500      510      520      530      540      550      560
      300      310      320      330
inputs -----LRHRGRAVQ--RPL-----PPLPPLPQTRK-----SHGGQDGGRQDVHSRGLC
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
SLSGEFLDTKDRQVEEDRQMDTEAAASEASQDVTYAQLHSLTLRRKATEPPPSQEGEPPEPSIYATLAI
      570      580      590      600      610      620      630
inputs S
      H

```

FIGURE 4 cont.

Alignments of top-scoring domains:

ig: domain 1 of 2, from 41 to 90: score 4.1, E = 6.1

```

      *->GesvtLtCsvgfgppgvsvtWyfkngk.lgpsllgysysrlesgek
      + vtL+C+          + v y + k ++          r++ +
ht268  41  EKPVTLCQGP-----PGVDLY-RLEKISSS-----RYQDQ-- 70
      enlsegrfsissltLtissvekeDsGtYtCvv<-*
      ++L i      +++ +G Y+C
ht268  71  -----AVLFIPAMKRSLAGRYRCSY      90

```

FIGURE 5A

ig: domain 2 of 2, from 127 to 182: score 19.1, E = 0.1
*->GesvtLtCsvgfgppgvsvtWyfkngk.lgpsllgysysrlesgek
G++vtL+C+++ + ++ y k+g++ + y+++
ht268 127 GGDVTLQCQTR---YGFDDQFALY-KFGDpAP-----YKNPERWYR-- 167
anlsegrfsissltLtissvekeDsGtYtCvv<-*
++++i++v++ sGtY+E
ht268 163 -----ASFPIITVTAHSGTYRCYS 182

FIGURE 5B

GAGTGGACCCACGGCTCCGCTTCCCTGCTTGGCCACATAGCTCAGGACTGGGTTGCAGAACC ATG TCT CCA GCC 4
 74
 S P T F F C I G L C V L Q V I Q T Q S G 24
 TCA CCC ACT TTC TTC TGT ATT GGG CTG TGT GTA CTG CAA GTG ATC CAA ACA CAG AGT GGC 134
 P L P E P S L Q E Q F S S L V P L G C S 44
 CCA CCG CCC AAG CCG TCG CTG CAG G T CAG CCG AAT TCC CTG GTA CCG CTG GGT CAG TCA 184
 V I L R C Q G P I D V I L Y E L F E L F 64
 GTT ATT CTG AGG TCG CAG GGA CCG CCA GAT CTG GAT TTA TAT CCG CTG GAG AAA CTG AAA 234
 P E K Y E D Q D E L F I P T H E E C H I 84
 CCG GAG AAG TAT GAA GAT CAA GAC TTT CTC TTC ATT CCA ACC ATG GAA AGA AGT AAT GGT 314
 G E Y R C S Y Q N G S E W S L P S D Q I 104
 GGA CCG TAT CGA TGC TGT TAT CAG AAT GGG AGT CAT TGG TCT CTC CCA AGT GAC CAG CTT 374
 E L I A T G V Y A E P S L S A R P S S I 124
 GAG CTA ATT GGT ACA GGT GTG TAT GGT AAA CCG TCA CTC TCA GGT CAT CCG AGG TCA GAA 434
 V I Q G R D V T I E C C S I Y S F D E F 144
 GTC CCG CAA GCG AGG GAT GTG ACT CTG AAG TCG CAG AGC CCA TAC AGT TTT GAT GAA TTC 494
 V L Y R E G D T G I Y E R P E E W Y R A 164
 GTT CTA TAC AAA GAA GGG GAT ACT GGG CCG TAT AAG AGA CCG GAG AAA TGG TAC CGG GCC 554
 N F P I I T V T A A H S G T Y R C Y S F 184
 AAT TTC CCC ATC ATC ACA GTG ACT GGT GGT CAC AGT GGG ACG TAC CCG TGT TAC AGC TTC 614
 S S S S P Y L W S A P S D P L V L V V T 204
 TCC AGC TCA TCT CCA TAC CTG TGG TCA GCC CCG AGT GAC CCG CTA GTG CTT GIG GTT ACT 674
 G L S A T P S Q V P T E E S F P V T E S 224
 GGA CTC TCT GCC ACT CCC AGC CAG GTA CCC ACG GAT GAA TCA TTT CCT GTG ACA GAA TCC 734
 S E E P S I L P T E K I S T T F E P H N 244
 TCC AGG AGA CCG TCC ATC TTA CCC ACA AAC AAA ATA TCT ACA ACT GAA AAG CCG ATG AAT 794
 I T A S P E G L S P P I G F A H Q H Y A 264
 ATC ACT GCC TCT CCA GAG GGG CTG AGC CCG CCA ATT GGT TTT GCT CAT CAG CAC TAT GCC 854
 K G N L V R I C L G A T I I I I L L G L 284
 AAG GGG AAT CTG GTC CCG ATA TGC CTT GGT GCC ACG ATT ATA ATA ATT TTG TTG GGG CTT 914
 L A E D W H S R K K C L Q H R M R A L Q 304
 CTA GCA GAG GAT TGG CAC AGT CCG AAG AAA TGC CTG CAA CAC AGG ATG AGA GCT TTG CAA 974
 R P L P P L P L A 314
 AGG CCA CTA CCA CCC CTC CCA CTG GCC TAG 1004
 AAATAACTTGGCTTTTCAGCAGAGGGATTGACCAGACATCCATGCACAACCATGGACATCACCCTAGAGCCACAGACAT 1083
 GGACATACTCAAGAGTGGGGAGGTTATATAAAAAATGAGTGTGGAGAATAAATGCAGAGCCAAAGGTGAAAAA 1162
 A 1163

FIGURE 6

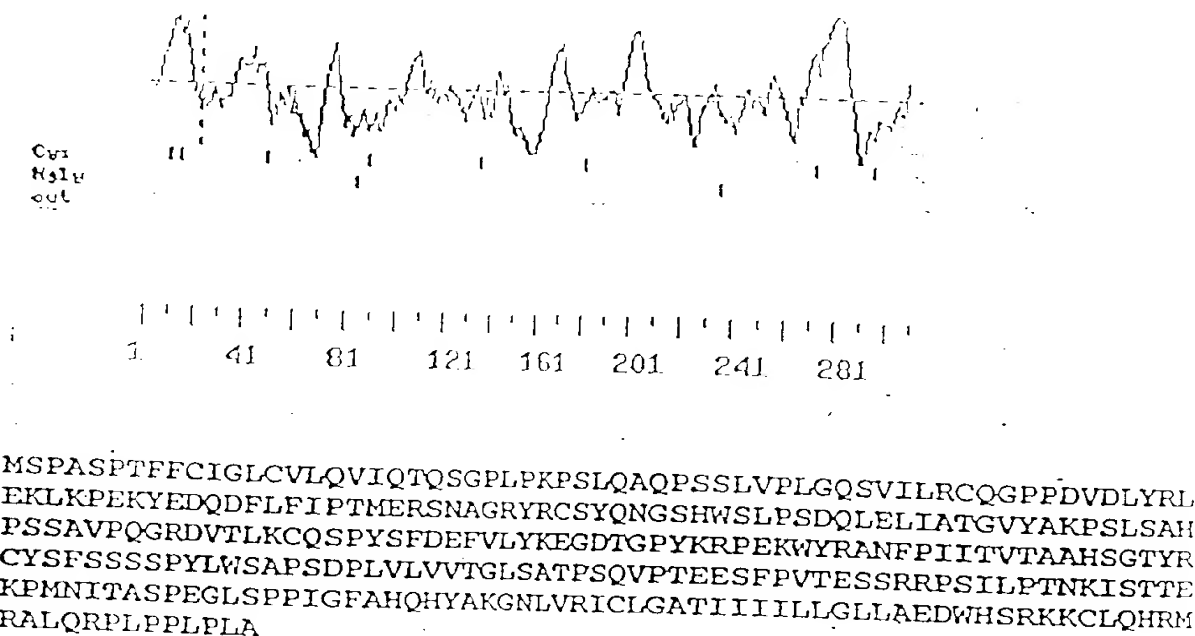


FIGURE 7

```

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0uPlease cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)
> U91928 ORF                                     1893 aa vs.
> mT268 ORF                                       939 aa
scoring matrix: pam120.mat, gap penalties: -12/-4
34.3% identity;                               Global alignment score: -836

      10      20      30      40      50      60      70
input 1 ATGAGCGCCGCGCTCAGAGCCCTGCTCTGCGCTTGGGCTGAGTCTCTCCCAAGAGTCTCTAGAGTCT
      :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
      ATGTCTCCAGCC-TCAG--CG---ACITTTCTT---CTGTAT-----
      10      20      30

      80      90      100      110      120      130      140
input 1 GGCCTTCCCCAAACCCACCCCTCTGGGCTGAGCCAGGCTCTGTGATCAGCTGGGGGAGCCCGTGACCAT
      ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      -----TGGGCTG-----TGTGTACTGC-----
      40

      150      160      170      180      190      200      210
input 1 CTGGTGTCCAGGGGCTCTGGAGGCCAGGAGTACCGACTGATTAAGAGGGGAGGCCAGAGCCCTTGGAT
      ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      -----AAGTGATCC-----AAACAGAGAG---TGG---
      50      60      70

      220      230      240      250      260      270      280
input 1 AGAAATAACCCACTGGAAACCCAGGAGCAAGGCCAGATTCTCCATCCCATCCATGACAGAGCACCATGCGG
      ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      -----CCCACT---CCC---CAAG-----CCTTCCC-TCCAGG-----
      80      90

      290      300      310      320      330      340      350
input 1 GGAGATACCGCTGCCACTATTACAGCTCTGCAGGCTGGTCAGAGCCCGAGCCGACCCCTGGAGCTGGTGAT
      : ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      -----CTCAGCC-----CAGTTCCCTG-GTACCCCTGGGTCAG-----
      100      110      120

      360      370      380      390      400      410      420
input 1 GACAGGATTCTACAACAAACCCACCCCTCTCAGCCCTGCCCGAGCCCTGTGGTGGCCTCAGGGGGGAATATG
      :::: ::::: ::::: ::::: :::::
      -TCAG--TTATTC-----TGAGGTG-C--CAGGGA-----
      130      140      150

      430      440      450      460      470      480
input 1 ACCCTCC-GATGTGGCTCACAGAAGGGATATCACCATTTTGTCTGATGAAGGAAGGAGAACACCAGCTC
      ::::: ::::: : ::::: :::::
      --CCTCCAGATGTGG-----ATTTATATCGCCTGGAGAACTGAAA-----
      160      170      180      190

      490      500      510      520      530      540      550
input 1 CCCCAGACCCCTGGACTCACAGCAGCTCCACAGTGGGGGGTTCCAGGCCCTGTTCCCTGTGGGCCCGTGA
      ::::: ::::: ::::: ::::: :::::

```

FIGURE 8

```

--CCGGA-----CA-----AGTATGAAGATCAAGAC---TTTCTCTT-----CATT-
                                200      210      220

560      570      580      590      600      610      620
inputs  ACCCCAGCCACAGGTGGAGGTTACATGCTATTACTATTATGAACACCCCCAGGTGTGGTCCCAACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      * -CCAACCATGGAGAAACCA- -ATGCT- - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
      130      140      150      260

630      640      650      660      670      680      690
inputs  CASTGACCCCGTGGAGATTCTGGGCTCAGGGCGTGTCTAGGAAGCCCTCCCTCCTGACCCTGCAGGSCCCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CGATG---CTCTTA-----TCAGA-----ATGGGAGTC-----ACTGGTCTCT
      270      280      290

700      710      720      730      740      750      760
inputs  GTCTGGCCCCCTGGGACAGGCTGACCTCCAGTGTGGCTCTGATGTCCGGCTACGACAGATTGTCTCTGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      - - - - -CCCAAG - - - - -TGACCAGCTTGAG- - - - -CTAATT- - - - -GCTAC- - - - -
      300      310      320

770      780      790      800      810      820      830
inputs  ATAAGGAGGGGGAACGTGACTTCCTCCAGCGCCCTGGCCAGCAGCCCCAGGCTCTCCAGGCCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      - - - - -AGGTGTGTATGCTAAAC- - - - -CCTC- - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
      330      340      350

840      850      860      870      880      890      900
inputs  CTTACCCCTGGGCCCTGTGAGCCCCCTCCCACGGGGGCCAGTACAGGTGCTATGGTGACACAACTCTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
      360

910      920      930      940      950      960      970
inputs  TCCGAGTGGTGGGCCCCCAGCGACCCCCCTGAACATCCTGATGGCAGGACAGATCTATGACACCGTCTCCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
      370      380      390      400

980      990      1000      1010      1020      1030      1040
inputs  TGTACGACAGCCGGGCCCCACAGTGGCCTCAGGAGAGAACGTGACCCTGCTGTGTCAGTCATGGTGGCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      AGT-----GCCAGAGCCATA-----CAGTTTIGATGA--
      410      420

1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
inputs  GTTTGACACTTTCCTTCTGACCAAAGAAGGGGCAGCCCATCCCCACTGCGTCTGAGATCAATGTACGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      - - - - -ATTGCTTCTATACAAAGAAGGGG- - - - -AT- - - - -ACTGGGCCTTATA--AGAGACCTGA
      430      440      450      460      470

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180

```

FIGURE 8 cont.

FIGURE 8 cont.


```

      1750      1760      1770      1780      1790      1800      1810
inputs GCTGCTGCATCTGAAGCCTCCCAGGATGTGACCTACGCCCAGCTGCACAGCTTGACCCTTAGACGGAAGG
      :: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: ::::::::::
      GC--CTGCAACA-----CAGGATGAGA-----GCTTTGC-----AAAGG
                890                900                910

      1820      1830      1840      1850      1860      1870      1880
inputs CAACTGAGCCTCCTCCATCCCAGGAAGGGGAACCTCCAGCTGAGCCACAGCATCTCGCCACTCTGGCCAT
      : :::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      CCACTA-----CCACC-----CCTCC-----CACTGGCC--
                920                930

      1890
inputs CCAC
      ----

```

FIGURE 8 cont.

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
 version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)
 > mT268 a.a. 313 aa vs.
 > GenPept U91928 - Human clone HL9 monocyte inhib 631 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 20.3% identity; Global alignment score: -802

```

      10      20      30      40      50      60
inputs MSPASPTFFCIGLVLIQVIQTQSSPLPKPSLQAQPSLVPIQQQNTLRQNTDVLVYPLFEL-EPFEL
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      MTPALTALLCLGLSLGPRTRVQAGSPFPKPTLWAEPGSVISWGSPTIWCQTSLAQHYRLDKGSSPEPI
      10      20      30      40      50      60      70

      70      80      90      100      110      120      130
inputs DQDFL-----F-IPTMERSNAGRYRCSYQNGSHWSLPSDQLELIATGVYAKPSLSAHPSSAVPQGRDV
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      RNNPLEPKNKARFSIPSMTEHMGARYCHYYSAGWSEPSDPLELVMTGFYKPTLSALPSPVVASGGNM
      80      90      100      110      120      130      140

inputs TLKCGSQEGYHNFVLMKECHHQLPRTLDSSQQLHSGGFQALFPVGPVNPSHWRATCYYYYMTFQVWSHP
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      150      160      170      180      190      200      210

inputs -----SFDEFVLYKEGD-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      SDPLEILPSGVSRKPSILLTLQGPVLAPGQSLTLQCGSDVGYDRFVLYKEGERDFLQRPQQPQAGLSQAN
      220      230      240      250      260      270      280

inputs -----TGPYK-----RP-----EKW-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      FTLGPVSPSHGGQYRCYGAHNLSSEWSAPSDPLNLMAGQIYDTVSLSAQPGPTVASGENVILLCQSWWQ
      290      300      310      320      330      340      350

inputs -----YRANFPITVTAHSGTYRCYSFSSSSPYLWSAPSDFLVLVVIG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      FDTFLLTKEGAHPPLRLRSMYGAHKYQAEFPMSPVTSAHAGTYRCYGSYSSNPHELLFPSEPLELMVSG
      360      370      380      390      400      410      420

      210      220
inputs LSATPSQVPTEES-----FPV-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      HSGGSSLPPTGPPSTPGLGRYLEVLIGVSVAFVLLLFLLLRQRHRSKHRTSDQRKTDQRPAGAAE
      430      440      450      460      470      480      490

      230      240      250      260      270
inputs TESS-----RRPS-----ILPTNKISTTEKPMNI-TASPEGLSP-PIGFAH--QHYAKGNLVR--I
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

FIGURE 9

Abstract:

11

FIGURE 9 cont.

Alignments of top-scoring domains:

ig: domain 1 of 2, from 42 to 91: score 10.2, E = 1.4

```

*->GesvtLtCsvgfgppgvsvtWfknkgk.lgpsllgysysrlesgek
G+sv L+C+          ++v y + k ++          +++e +
MT268  42  GQSVILRCQGP-----PDVDLY-RLEKIKP-----EKYEDQ-- 71
          anlsegrrfaissltltissvekeDsGtYtCvve+
          L i + e++++G Y+C
MT268  72 -----DPLDIFTMERSNAGRYRCSY          91

```

FIGURE 10A

ig: domain 2 of 2, from 128 to 183: score 9.6, E = 1.6
 *->GesvtLtCsvgf9ppgvsvtWYfkngk.lgpsllgysysrlesgek
 G +vtL C++ ++ y k+g++ + y+r+e +
 RT268 128 GRDVTLLKQSP--YSFDEFVLY-KDGDtGP-----YKRPEKW-Y 162
 +-----+
 anlsegfrfsissltLtissvekeDsGtYtCvv<-+
 + ++i++v++ sGtY+C
 RT268 163 RA-----NFPIITVTAHSGTYRCYS 183

FIGURE 10B

ALIGN calculates a global alignment of two sequences

version 2.0 Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

> ht268 a.a. 339 aa vs.

> mt268 a.a. 313 aa

scoring matrix: pam120.mat, gap penalties: -12/-4

64.4% identity; Global alignment score: 1011

```

      10      20      30      40      50      60
inputs  MSPSPALFCIGLCIGRV-PA DSGPLP PSLQALPSSLVPLEKPVTLRCQGP PGVDLYRLEKLSSSR YQ
      .....
      MSPASPTFFCIGLCVLQVIQT DSGPLP PSLQAQPSSLVPLGQSVILECQGP PDVDLYRLEKLKPEKYED
      10      20      30      40      50      60      70

      70      80      90      100     110     120     130
inputs  QAVLFIPAKESLAGRYRCSYQNGSLSLPSDQLELVATGVFA PSLSAQSPAVSSGGDVTLQCCQTRG
      .....
      QDFLFIPHERSNAGRYRCSYQNGSHSLPSDQLELIATGVYAP SLSAHPSSAVEQGRDVTLCQSPYS
      80      90      100     110     120     130     140

      140     150     160     170     180     190     200
inputs  FIDQFALYKEGDPAPYINPERWYRASFPIITVTAHSGTYRCYSFSSRD PYLWSAPSDFLVLVVTGTSVTP
      .....
      FDEFVLYKEGDTGPYKRPEKWYRANFPIITVTAHSGTYRCYSFSSSSP YLWSAPSDPLVLVVTGLSATP
      150     160     170     180     190     200     210

      210     220     230     240     250     260     270 ↓
inputs  SRLPTEPPSSVAEFSEATAELTVSFTNKVFTTETSR SITTS PKESDSPAGPARQYYTKGNLVRICLGAVI
      .....
      SQVPTEESFPVTESSRRPSILP---TNKISTTEKPNITASPEGLSPPIGFAHQHYAKGNLVRICLGATI
      220     230     240     250     260     270

      280     290     300     310     320     330
inputs  LIILAGFLAEDWHSRRKRLRHRGRAVQRPLPLPLPQTRKSHGGQDGGRQDVHSRGLCS
      .....
      I I I L L G L L A E D W H S R K K C L Q H R M R A L Q R P L P L P - L A - - - - -
      280     290     300     310

```

FIGURE 11

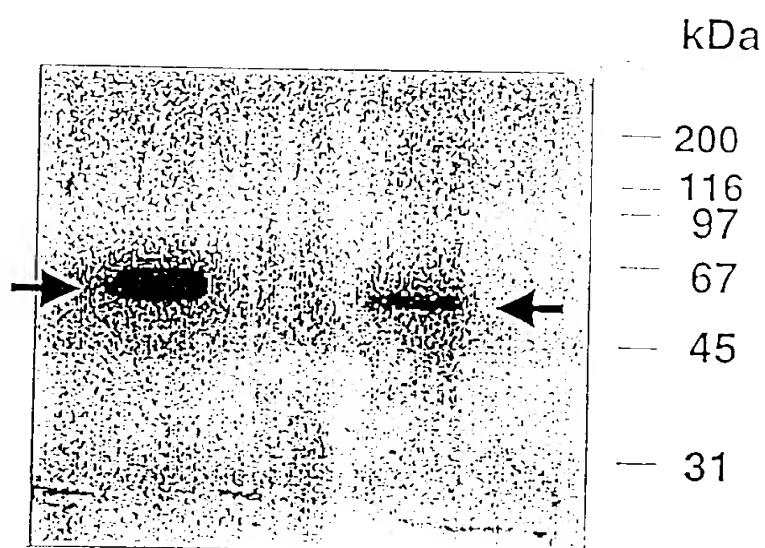


FIGURE 12

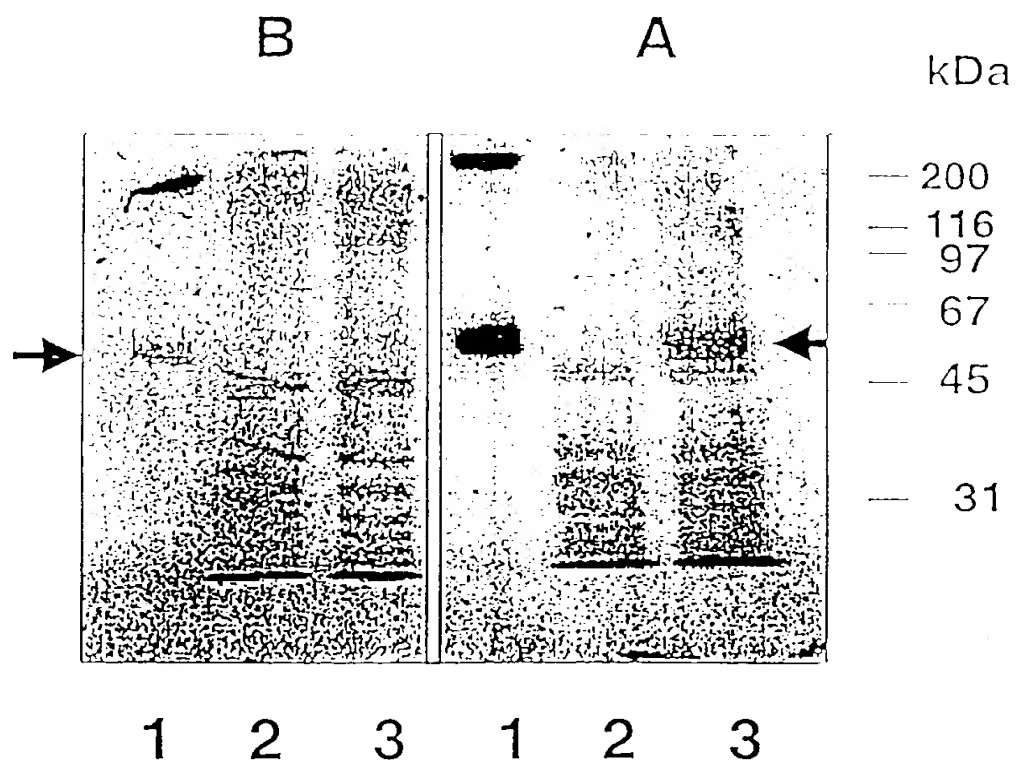


FIGURE 13

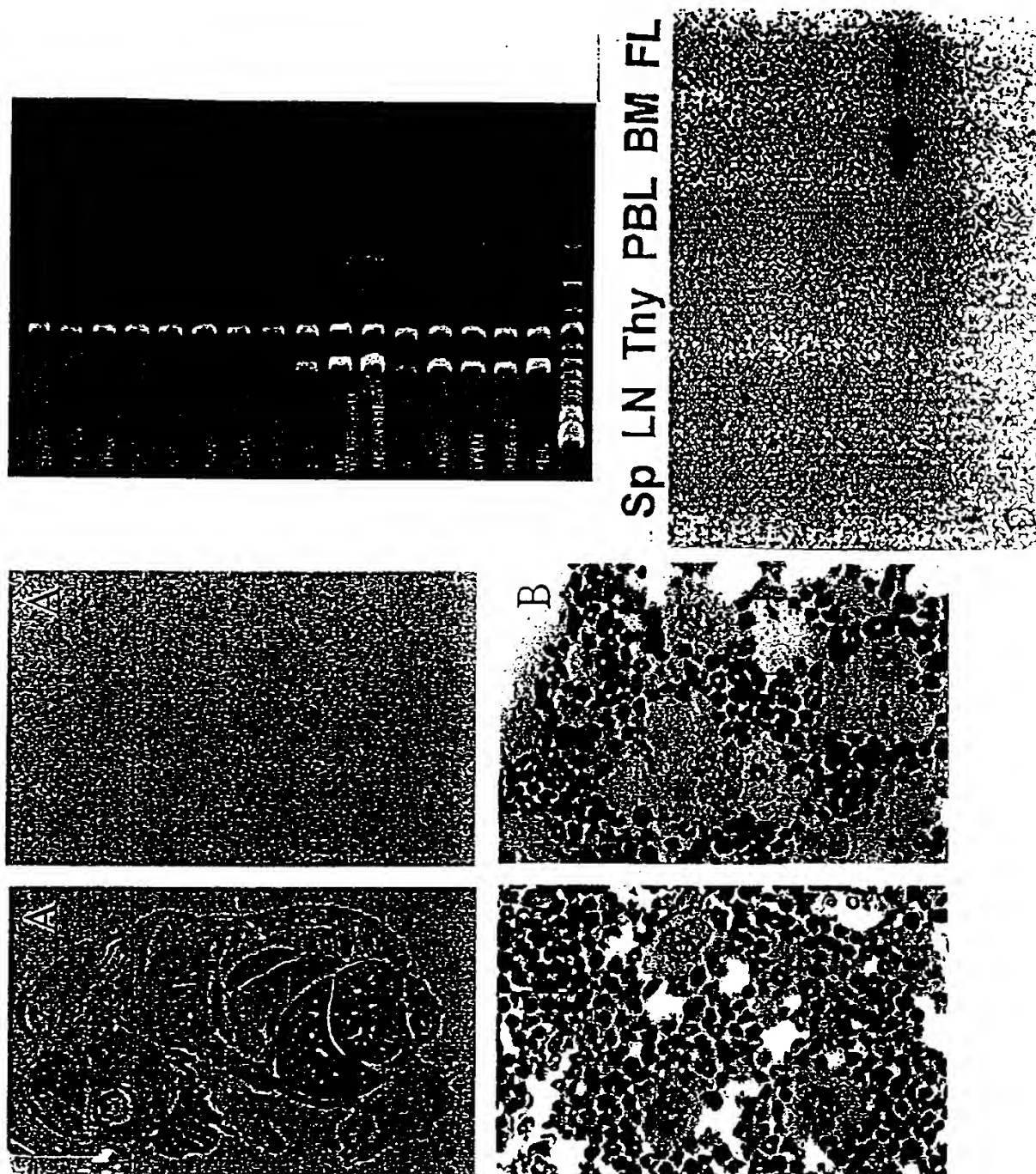


FIGURE 14

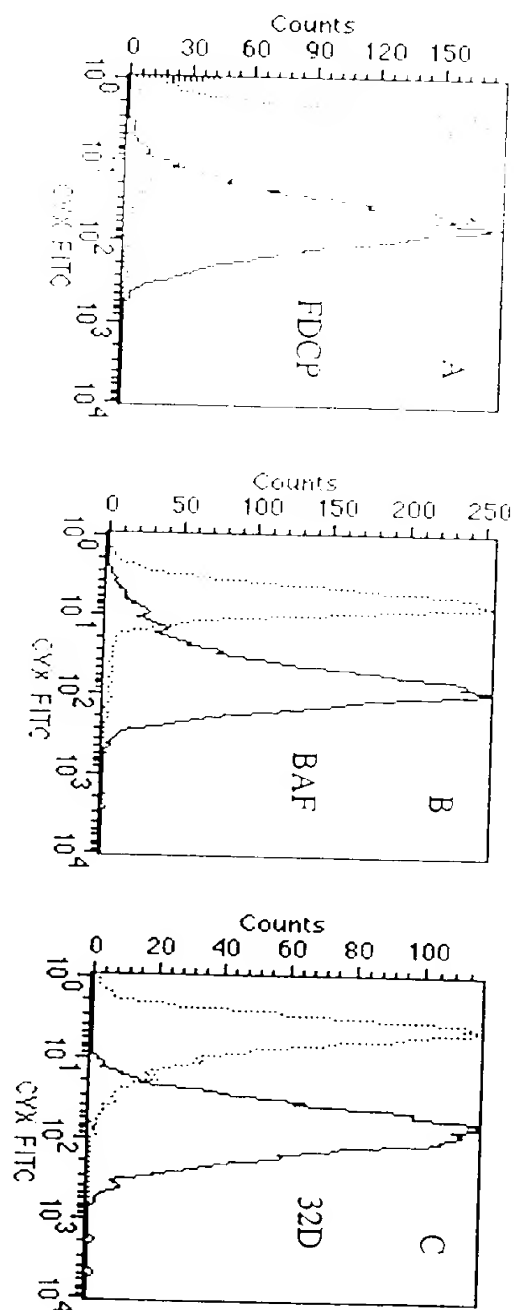


FIGURE 15

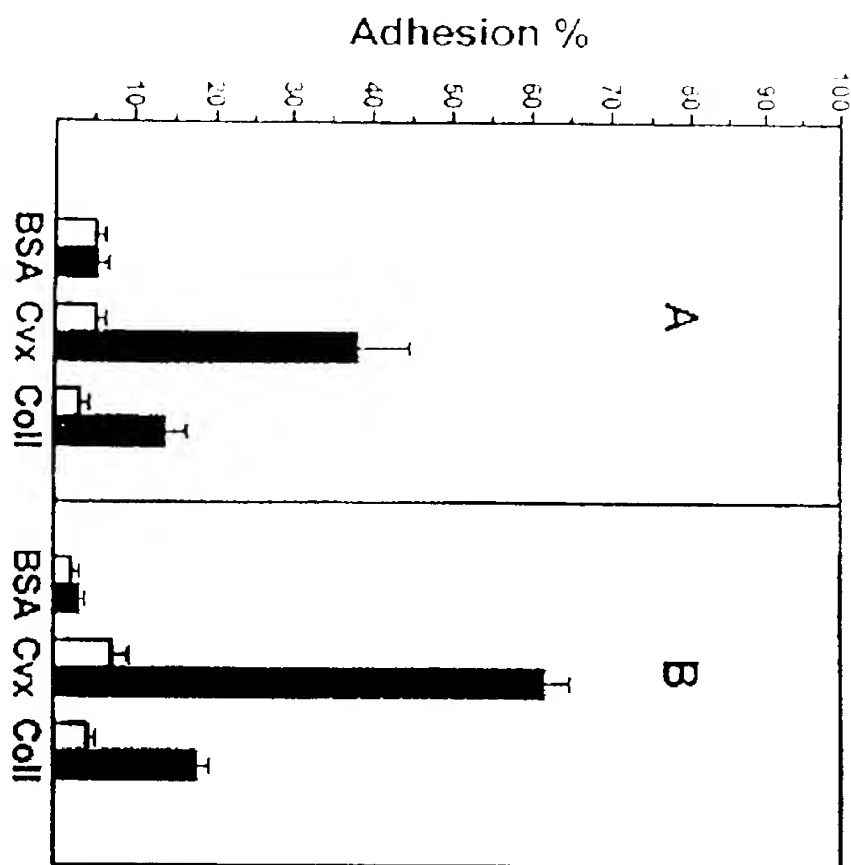


FIGURE 16

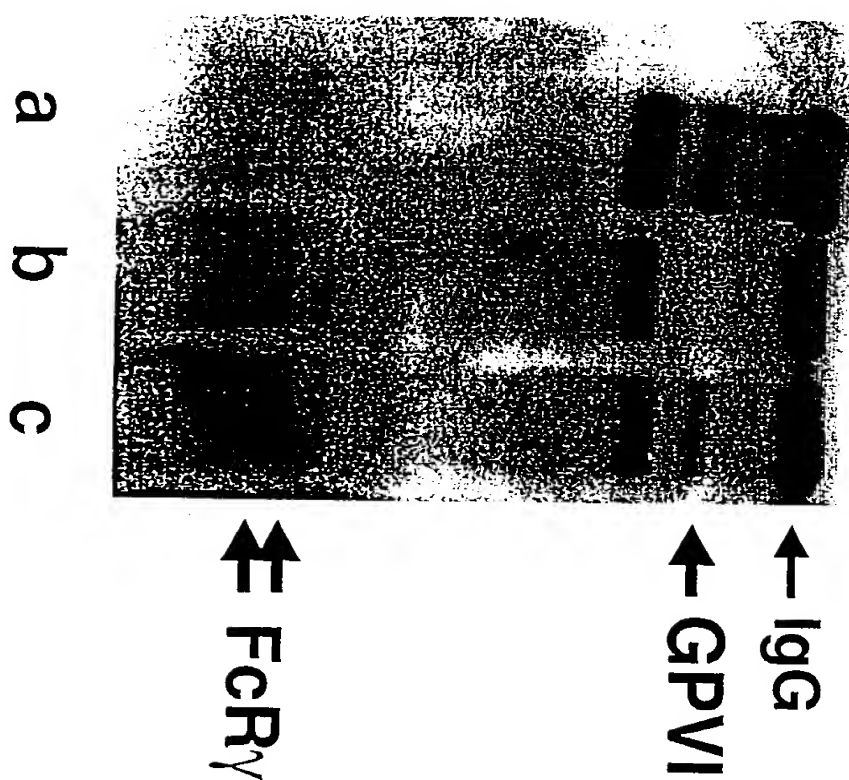


FIGURE 17

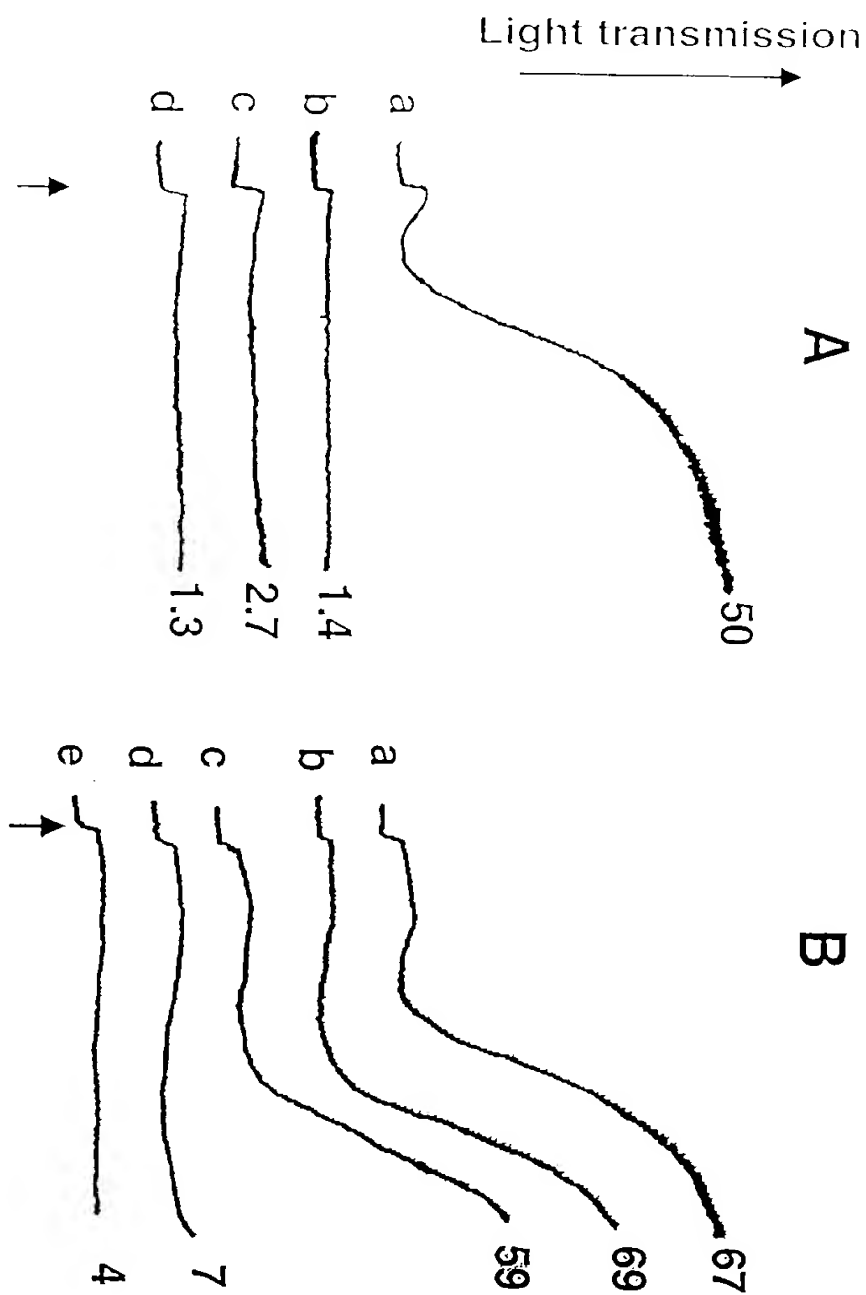


FIGURE 18

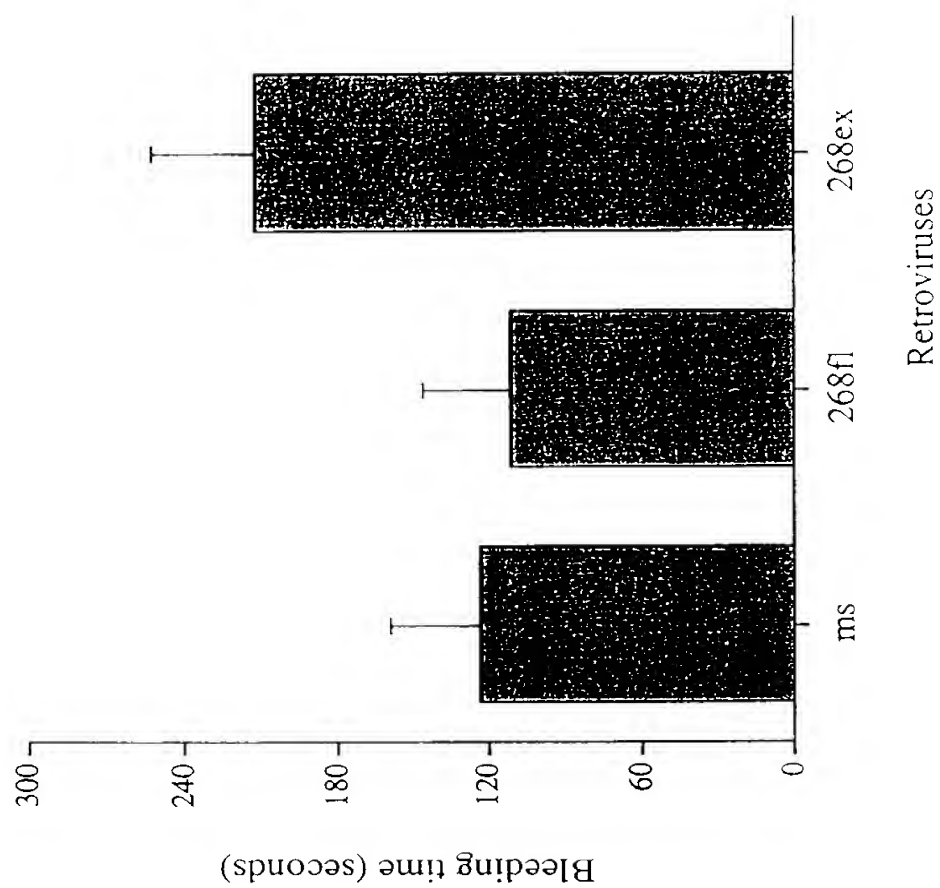


FIGURE 19